



Table1: Nucleotide Sequence of Enod2a Genomic Clone

GGATCCTTACACAGGCCAGACATCCCCAAGTTCTCA <u>BamHI</u>	36
AATAAGACAAATTGGTTGTTCTTTCTTAATATTCACAGGGAGATGTTCTGTCTTG	96
ATTTGGGGATTCATTTAGCACATAACAAACAGTTAACAAAATTCGCCCCACCAAAAAG	156
ATGTTGCACTAGAACTCAACATAGTAGCTACAACTAATTCTGAAAAGTTCTGTTCTTC	216
TTTCAGCTTACCGTTCATTCAGGTGAATATGGAGCAGTTGTTCATGTATGATTCCAT	276
GCAAATTATAAAACTCATTAACAAACTGGAATCATACTCTGTGCCTCTATCACTTCGAA	336
GTTCCTTAATTCTTATTGAATTGATTCAATTCTGTTACAAATAACTAAACATGT	396
CAAGCGCTTCACTTTATTTCTATAAGATATACATATATATAATCAGAGCAGTCATC	456
AATAAAAGTATAAAATATCGTTCCATTCTGGTCAACGTTCCATCAAATTACATAT	516
ATCAGAATGTATTAAATCCAATGGCTCAGATTCTTAACTACTGATTTGTGATTTT	576
AGTTATTTAGATTGACTGCAAAAAACACACTTTCAAAGTGATTGAAGATAGCTTGG	636
AATAAAACCTAAGTTACTCATATTAGATATGCAACGACTATTATATGACAAAGTCTAGA	696
ATGCCAGAATTAAATCACACAGCATGTAAGCAGAAGGAGAACTTTATTAATATCAAGA	756
TTCAATTGAACATGCCATCAGTGGCGTACCCCTTCCCTACAAATACCCATTCTGGTC	816
AAAGTAAATAAAATCTGCACCTATGGCTGAGTAACCCAGCCTGTTAAAAGAAAACCA	876
GAAACCAGATTCTTCTCATCTCTGGAGTATGCATCACATTTGAGAATCAAAGTCTT	936
CCAGAGGTAAACTCAGTTAACATCTCCAGTTCTAGAACAGTAGTGGTGTGGAAATCA	996

FIG. 2A

CCCAACAACACTTCTTATTTCAACATCGTGTATGTTAACATAGCATGATCTTA	1056
<u>Sau3A</u>	
TACTTGTATTTTTTTGTTTAGTTCTATACTAAAAAATTCTGTTTATTATTTTA	1116
CGCCTTAGTTCTAGCAATCTAAAAGTATATAAAAGAAGTATAACGACTAAACAT	1176
AAAAAAAAAAATTGTATAAAAAATAAAGCATATAGCTTCATTCATATATAAGAACTAA	1236
ACTGAAATACCACTGGTAAAGTATAAGAACTAATCGATAAAATTAAGCAAATTAAGGGTACA	1296
TATTATTTTAAGAAAATTAGGCCGGGTATATATTTAAAAAGGACTATACACTATGTG	1356
ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTCTAATGTGTTTTACTT	1416
TCTCTATCACACTGTTATTTCT <u>CACT</u> ATTTTTCTCTGTTCTGTTATTTCAC	1476
TCTAAA <u>ACTGGAG</u> <u>TAAT</u> ATGTTATGACTACAACACATTTGACATGACTTAGGATTAAC	1536
<u>Hind3</u>	
ATATATTATGATAAAATAACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAAAAGCTCTCATGTCTC	1596
TS ± 20	
CTCTCCCTATAAGTAGTTCCCATTGTTATCACTTTCATCAGCACAGCTAACAGATGA	1656
ORF1 M	
CTTCTGACTACACTCACTCCTGCTGCTCCTGCTGGAGGGTGGATTCTCACCACTC	1716
T S V L H Y S L L L L L G V V I L T T	
CAGTGCTAGCTAATTGAAAGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCC	1776
P V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P	
OFR2 M S L L Q L R N P	
CCACCTATGAACCTCCACCATTATAAGCCCCATACTACCCACCAGTCACCACC	1836
P T Y E P P F Y K P P Y Y P P P V H H	
P P M N L H H F I S P H T T H H Q C T T	
CTCCACCAGAGTACCAACCACCCATGAAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCCTC	1896
P P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P	
L H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L	
ATGAGAAACCACCAAGAACATACCTACCTCCTCATGAGAAACGCCACCAAGAAC	1956
H E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q	
M R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N	

FIG. 2B

CTCCTCATGAGAAACCACCCATGAGAATCCACCAACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGA	2016
P P H E K P P H E N P P P E H Q P P H E	
L L M R N H P M R I H H R S T N H L M R	
AGCCACCAAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAGTATGAACCACCTCATG	2076
K P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H	
S H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M	
AGAAACCACCAACCAAGAACATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAACAC	2136
E K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P	
R N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H	
CTCATGAGAAACCACCAACCAAGAACATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAC	2196
P H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H	
L M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T	
AACCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGCACGCCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAGT	2256
Q P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E	
N H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S	
ATCAACCACCTCATGAGAAACCACCAACCAAGAACATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCAC	2316
Y Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P	
I N H L M R N H H Q N T N L L K K S H H	
ATGAAAAACCACGCCAGAACATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCACCAAC	2376
H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q	
M K N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N	
CTCCCCATGAAAAGCCACCACCAAGTGTACCCACCCCTTATGAGAAACCACCAAC	2436
P P H E K P P P V Y P P P Y E K P P P V	
L P M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C	
ATGAACCCCTTATGAGAAGCCACCCCTAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCAC	2496
Y E P P Y E K P P P V V Y P P P H E K P	
M N P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:3)	
CCATTATGAGCCACCGCCATTGGAGAACGCCACCGGTCTACAATCCCCCACCTTATGGCC	2556
P I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G	
GCTATCCACCATCCAAGAAAAACTAATAACCACCTGCCTGCGTCACATGTTGGTCTAC	2616
R Y P P S K K N * (SEQ ID NO:2)	
TCAAACCTAGACCTGCCCTTGTCAATAAGCTTCTGTTAAGATCTCAAGT	2676
<u>Hind3</u>	
ACAATATGTCCCTCTGCATGCACTACTTCTCAAAATAAAGGCTTATGCCTATGTATA	2736
ATACTCTACTTAATTCTCCTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGGT	2796
TTATCTATGGCTATAATAAGTTTCTTGTTACTTATGAGTCTTGTGTTAATTG	2856

FIG. 2C

CATGCTAAAAATTGGCAAAACATATATAATTCTGTCGTACATGTTTATTTATGAAC 2916
TTCATAAGTACCGTAAAGCAATGATAATGTGTAAGTTGCTGGTCTATATATATGTT 2976
AAATACACATATCTCTAAACCGTCAATGAGAAACTCTGTACCTGTTATTCAACTT 3036
GGAAAACCAAACCAATAAAC (SEQ ID NO:1) 3060

FIG. 2D

Table 2: Nucleotide Sequence of Enod2b Genomic Clone

AAGCTTGACAAAAGATAAAATGCTTGTGGGTGGCGTAGCGTCTTATGCAGCAATGGTT <u>Hind3</u>	60
TATGTAATTATGTAATGGGGTGGTCACTCCTAGTGACTGTCCTCTGTGTTATGATTAAT	120
GAAATGTTTGTTCGAAAAGAACAAAAATCCTAACGTTACCCCATTTGAAATA	180
GTCTCTTACATTGAATTGGGGTGAATTATTAAAGAAGAACATCTCAACTACTTATTATT	240
TTAAATTCAATCATTATTAGTTAATTAAATCACTTTCTAAATATTAAAATA	300
TAATAAAACTCTCTAAAAACATAATAAAATTAAACTAAAATAATTATTATTTT	360
ATTGGTATTTATTTGTTTTTTCTAAATTCAATTCTTTACTTATGTTTAA	420
TAGACAAAAACTGATTGTAACNNNNNCATGTATAGAAAACATTCCCTTAACCTATA	480
AAAAACTATCATTAAATATTAAAGATAATTATTAAACAAACTTATTAA	540
TAATATATGATTCAATAATAATATAAAATCTTGCATCTAACATAATTATAATA	600
TTACAATTTTCCTTAAATCAATTACATTAAACATTAAATTCAATTATCC	660
GACTATTGCTGCGCATGATAGGCTCTAAAGACCATCCCATTCACATATTAAATATCTTAT	720
TCAACGTTAATCTGTGTTCTGTTAGATTCAAAGATTCCAGTGAATAGTGATGGCTAAGA	780
ACAGTTTCTTGACCTTCGCTAACAAAGCAAGCCTACCTATACAAGCTCCAATTATTTCT	840
TTTTGAGGATTGCTCCATTATTNNCCGACAAACATACATGCATCTAAATGTGGCAGC	900
ATGCTAAAGTTGGTGAGGCTATAGTAAATATGAAATAAGATTGAAGTTCAGCCC	960
AATATAAAAAAAAAATTAAATTCCCTCTGAAATGAAAAGAGTACAAAGAAGATATAATCA	1020

FIG. 3A

GTAAAATCTTTTCATAAGCATTGATCTGGATACATCAACTTGATGCCTGGAAACT	1080
GTGCTCAAGTTGACAGCAATTCTGGAATTTCGCCACAACAGAAGCTCCAGACGAT	1140
TATGATTATGACCTTATATGATGTTAGTACGTGAAAGTAATTAGAATCGCATTGCTA	1200
ACTATTAGCAATTTTTTTAAGCTAATGCAAGTGACAGAATCTTAGGTCTCTATAAT	1260
TTGAAACCTGTGGCGGTGGAACCTCGTACTCATGTGCTGAAAAGAACCTTGATATTTTA	1320
AGGGAAATAATATATCAATGCTCCTAACGTCTAAACTTATCTTCTTGGCAGCTAAA	1380
TTTACTTTAAAAAGAAATAAGATTAAATAACTTTCTTACAAGAAAATATATTAATTA	1440
TTAATTGTTAAGTTAACGTCTTTATACATTATTGTTAAATTCCAGTCATCTT	1500
TTAACATAATTCCAATCATTATTAGTTTACTTTATAAACAAATAAAACATAATTAATT	1560
TTCAGATTAAAAATAGATAGAAGTTTTAATTGTTTATTATCAAATTCAATT	1620
AACATATTTATAATAGATAAAATGAATTGTAACAAATTAAATGATTGACCTATAGATAA	1680
GTAATTAGCCAACAACCTTTTAGTATTAAATTGATAGAAAAATTAGCTATATTGGG	1740
GGGGGGGGGGGTCAAGTTAATGAAGTTAAAGTTCATTGAATATATTGTAAAAAAAGAT	1800
AAAGGGTTAAGGTCTAATAGAGATAATATTAGGACTTAATTAAATTATTGATCTT	1860
<u>Sau3a</u>	
TACTTGTATTTTTTTGTTAGTTCTATACTTAAATTCTGTTTATTATTTTA	1920
CGCCTTAGTTCTAGCAATCTAAACTGATATAAAATAGAAGTATAACGACTAAACAT	1980
AAAAAAAAAAATTGTATAAAAATAAGCATATAGCTTCATTCATATATAAGAACTAA	2040
ACTGAAATACCAGTGTAAAGTATAAGAACTAATCGATAAATTAGCCAAATTAGGGTACA	2100

FIG. 3B

TATTATTTAAGAAAATTAGGCCGGTATATATTTAAAAAGGACTATACTATGTG	2160
ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTCTAATGTGTTTTACTT	2220
TCTCTATCACACTGTTATTT <u>CTCACT</u> ATTTCTCTGTTCTGTTATTCAC	2280
TCTAAA <u>ACTGGAGT</u> AATATGTTATGACTACAACACATTTGACATGACTTAGGATTAAC	2340
ATATATTATGATAAAATAACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAACGCTTCATGTCTCCT TS ± 20	2400
<u>Hind3</u>	
CTCCCTATAAGTAGTTCCCATTGTTATCACTTTCATCAGCACAAGCTAACGACATGACT	2460
ORF1 M T	
TCTGTACTACACTCACTCCTGCTGCCTGCTTGGAGTGGTGATTCTCACCACTCCA S V L H Y S L L L L G V V I L T T P	2520
G TGCTAGCTAATTGAAGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCCCC V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P P ORF2 M S L L Q L R N P P	2580
ACCTATGAACCTCCACCATTATAAGCCCCATACTACCCACCACCAAGTGCACCACCT T Y E P P F Y K P P Y Y P P P V H H P P M N L H H F I S P H T T H H Q C T T L	2640
CCACCAGAGTACCAACCACCCATGAAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCAT P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P H H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L M	2700
GAGAAACCACCAACCAGAATACCTACCTCCTCATGAGAAACCGCCACCAGAACCT E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q P R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N L	2760
CCTCATGAGAAACCACCCATGAGAATCCACCACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGAAG P H E K P P H E N P P P E H Q P P P H E K L M R N H P M R I H H R S T N H L M R S	2820
CCACCAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAGTATGAACCACCTCATGAG P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H E H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M R	2880
AAACCACCAACCAGAACATCCAACCACCTCATGAGAACGCCACCAGAACATACCAACCACCT K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P P N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H L	2940
CATGAGAAACCACCAACCAGAACATCCAACCACCTCATGAGAACGCCACCACAGAGCACCAA H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T N	3000

FIG. 3C

CCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGCACCACTCATGAGAAGCCACCAGAGTAT	3060
P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E Y	
H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S I	
CAACCACCTCATGAGAAACCACCAGAACATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCAT	3120
Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P H	
N H L M R N H Q N T N L L K K S H H M K	
GAAAAACCGCCAGAACATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCAGAACACCAACCT	3180
E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q P	
N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N L P	
CCCCATGAAAAGCCACCACCACTGTGTACCCACCCCTTATGAGAAACCACCAACCT	3240
P H E K P P V Y P P P Y E K P P P V Y	
M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C M N	
GAACCCCTTATGAGAAGCCACCCAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCACCC	3300
E P P Y E K P P V V Y P P P H E K P P	
P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:6)	
ATTTATGCCACCGCCATTGGAGAACGCCACCGGTCTACAATCCCCACCTTATGCCGC	3360
I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G R	
TATCCACCATCCAAGAAAAACTAATAACCACTTGCCTGCGTCACATGTTGGTCTACTC	3420
Y P P S K K N * (SEQ ID NO:5)	
AAACTTAGACCTGCCTTGTCAATATAAGCTTCTGTTAAGATCTCAAGTAC	3480
<u>Hind3</u>	
AATATGTCCTCTGCATGCACTACTTCTCAAAATAAGGCTTATGCCTATGTATAAT	3540
ACTCTACTTAATTCTCCTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGTTT	3600
ATCTATGGCTATAATAAGTTTCTTGTTACTTATGAGTCTTGTAAATTGCA	3660
TGCTAAAAATTGGCAAAACATATATAATTCTGTCGTACATGTTTATTTATGAACTT	3720
CATAAGTACCGGTAAAGCAATGATAATGTGTAAAGTTGCTGGTCTATATATGTTAA	3780
ATACACATATCTCTAACCTGTCAATGAGAAATACTCTTGTACCTTGTAACT	3840
TGGGAGACTAACCTA (SEQ ID NO:4)	3856

FIG. 3D